

# REPLACEMENT SHEET

Fig. 1A

1	1	tgacttggatgtagacctcgaccttcacaggactcttcattgctggttggcaatg															ATG	TAT	CGG	CCA	GAT	GTG	73
																M	Y	R	P	D	V	6	
74	74	GTG	AGG	GCT	AGG	AAA	AGA	GTT	TGT	TGG	GAA	CCC	TGG	GTT	ATC	GGC	CTC	GTC	ATC	TTC	ATA	133	
	7	V	R	A	R	K	R	V	C	W	E	P	W	V	I	G	L	V	I	F	I	26	
134	134	TCC	CTG	ATT	GTC	CTG	GCA	GTG	TGC	ATT	GGA	CTC	ACT	GTT	CAT	TAT	GTG	AGA	TAT	AAT	CAA	193	
	27	S	L	I	V	L	A	V	C	I	G	L	T	V	H	Y	V	R	Y	N	Q	46	
194	194	AAG	AAG	ACC	TAC	AAT	TAC	TAT	AGC	ACA	TTG	TCA	TTT	ACA	ACT	GAC	AAA	CTA	TAT	GCT	GAG	253	
	47	K	K	T	Y	N	Y	Y	S	T	L	S	F	T	T	D	K	L	Y	A	E	66	
254	254	TTT	GGC	AGA	GAG	GCT	TCT	AAC	AAT	TTT	ACA	GAA	ATG	AGC	CAG	AGA	CTT	GAA	TCA	ATG	GTG	313	
	67	F	G	R	E	A	S	N	N	F	T	E	M	S	Q	R	L	E	S	M	V	86	
314	314	AAA	AAT	GCA	TTT	TAT	AAA	TCT	CCA	TTA	AGG	GAA	GAA	TTT	GTC	AAG	TCT	CAG	GTT	ATC	AAG	373	
	87	K	N	A	F	Y	K	S	P	L	R	E	E	F	V	K	S	Q	V	I	K	106	
374	374	TTC	AGT	CAA	CAG	AAG	CAT	GGA	GTG	TTG	GCT	CAT	ATG	CTG	TTG	ATT	TGT	AGA	TTT	CAC	TCT	433	
	107	F	S	Q	Q	K	H	G	V	L	A	H	M	L	L	I	C	R	F	H	S	126	
434	434	ACT	GAG	GAT	CCT	GAA	ACT	GTA	GAT	AAA	ATT	GTT	CAA	CTT	GTT	TTA	CAT	GAA	AAG	CTG	CAA	493	
	127	T	E	D	P	E	T	V	D	K	I	V	Q	L	V	L	H	E	K	L	Q	146	
494	494	GAT	GCT	GTA	GGA	CCC	CCT	AAA	GTA	GAT	CCT	CAC	TCA	GTT	AAA	ATT	AAA	AAA	ATC	AAC	AAG	553	
	147	D	A	V	G	P	P	K	V	D	P	H	S	V	K	I	K	K	I	N	K	166	
554	554	ACA	GAA	ACA	GAC	AGC	TAT	CTA	AAC	CAT	TGC	TGC	GGA	ACA	CGA	AGA	AGT	AAA	ACT	CTA	GGT	613	
	167	T	E	T	D	S	Y	L	N	H	C	C	G	T	R	R	S	K	T	L	G	186	
614	614	CAG	AGT	CTC	AGG	ATC	GTT	GGT	GGG	ACA	GAA	GTA	GAA	GAG	GGT	GAA	TGG	CCC	TGG	CAG	GCT	673	
	187	Q	S	L	R	I	V	G	G	T	E	V	E	E	G	E	W	P	W	Q	A	206	
674	674	AGC	CTG	CAG	TGG	GAT	GGG	AGT	CAT	CGC	TGT	GGA	GCA	ACC	TTA	ATT	AAT	GCC	ACA	TGG	CTT	733	
	207	S	L	Q	W	D	G	S	H	R	C	G	A	T	L	I	N	A	T	W	L	226	
734	734	GTG	AGT	GCT	GCT	CAC	TGT	TTT	ACA	ACA	TAT	AAG	AAC	CCT	GCC	AGA	TGG	ACT	GCT	TCC	TTT	793	
	227	V	S	A	A	H	C	F	T	T	Y	K	N	P	A	R	W	T	A	S	F	246	
794	794	GGA	GTA	ACA	ATA	AAA	CCT	TCG	AAA	ATG	AAA	CGG	GGT	CTC	CGG	AGA	ATA	ATT	GTC	CAT	GAA	853	
	247	G	V	T	I	K	P	S	K	M	K	R	G	L	R	R	I	I	V	H	E	266	
854	854	AAA	TAC	AAA	CAC	CCA	TCA	CAT	GAC	TAT	GAT	ATT	TCT	CTT	GCA	GAG	CTT	TCT	AGC	CCT	GTT	913	
	267	K	Y	K	H	P	S	H	D	Y	D	I	S	L	A	E	L	S	S	P	V	286	
914	914	CCC	TAC	ACA	AAT	GCA	GTA	CAT	AGA	GTT	TGT	CTC	CCT	GAT	GCA	TCC	TAT	GAG	TTT	CAA	CCA	973	
	287	P	Y	T	N	A	V	H	R	V	C	L	P	D	A	S	Y	E	F	Q	P	306	
974	974	GGT	GAT	GTG	ATG	TTT	GTG	ACA	GGA	TTT	GGA	GCA	CTG	AAA	AAT	GAT	GGT	TAC	AGT	CAA	AAT	1033	
	307	G	D	V	M	F	V	T	G	F	G	A	L	K	N	D	G	Y	S	Q	N	326	
1034	1034	CAT	CTT	CGA	CAA	GCA	CAG	GTG	ACT	CTC	ATA	GAC	GCT	ACA	ACT	TGC	AAT	GAA	CCT	CAA	GCT	1093	
	327	H	L	R	Q	A	Q	V	T	L	I	D	A	T	T	C	N	E	P	Q	A	346	
1094	1094	TAC	AAT	GAC	GCC	ATA	ACT	CCT	AGA	ATG	TTA	TGT	GCT	GGC	TCC	TTA	GAA	GGA	AAA	ACA	GAT	1153	
	347	Y	N	D	A	I	T	P	R	M	L	C	A	G	S	L	E	G	K	T	D	366	
1154	1154	GCA	TGC	CAG	GGT	GAC	TCT	GGA	GGA	CCA	CTG	GTT	AGT	TCA	GAT	GCT	AGA	GAT	ATC	TGG	TAC	1213	
	367	A	C	Q	G	D	S	G	G	P	L	V	S	S	D	A	R	D	I	W	Y	386	
1214	1214	CTT	GCT	GGA	ATA	GTG	AGC	TGG	GGA	GAT	GAA	TGT	GCG	AAA	CCC	AAC	AAG	CCT	GGT	GTT	TAT	1273	
	387	L	A	G	I	V	S	W	G	D	E	C	A	K	P	N	K	P	G	V	Y	406	
1274	1274	ACT	AGA	GTT	ACG	GCC	TTG	CGG	GAC	TGG	ATT	ACT	TCA	AAA	ACT	GGT	ATC	TAA	gagagaaaagcc			1336	
	407	T	R	V	T	A	L	R	D	W	I	T	S	K	T	G	I	*				423	
1337		tcattggaacagataaacattttttttgttttttgggtgtggaggccatttttagagatacagaattggagaagacttgca																				1416	
1417		aaacagctagatttgactgatctcaataaactgttttgcttgatgcaaaaaaaaaa																				1471	

# REPLACEMENT SHEET

Fig. 1B

1	1	tgacttggatgtagacctcgaccttcacaggactcttcattgctggttggaatg														ATG	TAT	CGG	CCA	GAT	GTG	73
																M	Y	R	P	D	V	6
74	74	GTG	AGG	GCT	AGG	AAA	AGA	GTT	TGT	TGG	GAA	CCC	TGG	GTT	ATC	GGC	CTC	GTC	ATG	TTC	ATA	133
	7	V	R	A	R	K	R	V	C	W	E	P	W	V	I	G	L	V	M	F	I	26
134	134	TCC	CTG	ATT	GTC	CTG	GCA	GTG	TGC	ATT	GGA	GTC	ACT	GTT	CAT	TAT	GTG	AGA	TAT	AAT	CAA	193
	27	S	L	I	V	L	A	V	C	I	G	V	T	V	H	Y	V	R	Y	N	Q	46
194	194	AAG	AAG	ACC	TAC	AAT	TAC	TAT	AGC	ACA	TTG	TCA	TTT	ACA	ACT	GAC	AAA	CTA	TAT	GCT	GAG	253
	47	K	K	T	Y	N	Y	Y	S	T	L	S	F	T	T	D	K	L	Y	A	E	66
254	254	TTT	GGC	AGA	GAG	GCT	TCT	AAC	AAT	TTT	ACA	GAA	ATG	AGC	CAG	AGA	CTT	GAA	TCA	ATG	GTG	313
	67	F	G	R	E	A	S	N	N	F	T	E	M	S	Q	R	L	E	S	M	V	86
314	314	AAA	AAT	GCA	TTT	TAT	AAA	TCT	CCA	TTA	AGG	GAA	GAA	TTT	GTC	AAG	TCT	CAG	GTT	ATC	AAG	373
	87	K	N	A	F	Y	K	S	P	L	R	E	E	F	V	K	S	Q	V	I	K	106
374	374	TTC	AGT	CAA	CAG	AAG	CAT	GGA	GTG	TTG	GCT	CAT	ATG	CTG	TTG	ATT	TGT	AGA	TTT	CAC	TCT	433
	107	F	S	Q	Q	K	H	G	V	L	A	H	M	L	L	I	C	R	F	H	S	126
434	434	ACT	GAG	GAT	CCT	GAA	ACT	GTA	GAT	AAA	ATT	GTT	CAA	CTT	GTT	TTA	CAT	GAA	AAG	CTG	CAA	493
	127	T	E	D	P	E	T	V	D	K	I	V	Q	L	V	L	H	E	K	L	Q	146
494	494	GAT	GCT	GTA	GGA	CCC	CCT	AAA	GTA	GAT	CCT	CAC	TCA	GTT	AAA	ATT	AAA	AAA	ATC	AAC	AAG	553
	147	D	A	V	G	P	P	K	V	D	P	H	S	V	K	I	K	K	I	N	K	166
554	554	ACA	GAA	ACA	GAC	AGC	TAT	CTA	AAC	CAT	TGC	TGC	GGA	ACA	CGA	AGA	AGT	AAA	ACT	CTA	GGT	613
	167	T	E	T	D	S	Y	L	N	H	C	C	G	T	R	R	S	K	T	L	G	186
614	614	CAG	AGT	CTC	AGG	ATC	GTT	GGT	GGG	ACA	GAA	GTA	GAA	GAG	GGT	GAA	TGG	CCC	TGG	CAG	GCT	673
	187	Q	S	L	R	I	V	G	G	T	E	V	E	E	G	E	W	P	W	Q	A	206
674	674	AGC	CTG	CAG	TGG	GAT	GGG	AGT	CAT	CGC	TGT	GGA	GCA	ACC	TTA	ATT	AAT	GCC	ACA	TGG	CTT	733
	207	S	L	Q	W	D	G	S	H	R	C	G	A	T	L	I	N	A	T	W	L	226
734	734	GTG	AGT	GCT	GCT	CAC	TGT	TTT	ACA	ACA	TAT	AAG	AAC	CCT	GCC	AGA	TGG	ACT	GCT	TCC	TTT	793
	227	V	S	A	A	H	C	F	T	T	Y	K	N	P	A	R	W	T	A	S	F	246
794	794	GGA	GTA	ACA	ATA	AAA	CCT	TCG	AAA	ATG	AAA	CGG	GGT	CTC	CGG	AGA	ATA	ATT	GTC	CAT	GAA	853
	247	G	V	T	I	K	P	S	K	M	K	R	G	L	R	R	I	I	V	H	E	266
854	854	AAA	TAC	AAA	CAC	CCA	TCA	CAT	GAC	TAT	GAT	ATT	TCT	CTT	GCA	GAG	CTT	TCT	AGC	CCT	GTT	913
	267	K	Y	K	H	P	S	H	D	Y	D	I	S	L	A	E	L	S	S	P	V	286
914	914	CCC	TAC	ACA	AAT	GCA	GTA	CAT	AGA	GTT	TGT	CTC	CCT	GAT	GCA	TCC	TAT	GAG	TTT	CAA	CCA	973
	287	P	Y	T	N	A	V	H	R	V	C	L	P	D	A	S	Y	E	F	Q	P	306
974	974	GGT	GAT	GTG	ATG	TTT	GTG	ACA	GGA	TTT	GGA	GCA	CTG	AAA	AAT	GAT	GGT	TAC	AGT	CAA	AAT	1033
	307	G	D	V	M	F	V	T	G	F	G	A	L	K	N	D	G	Y	S	Q	N	326
1034	1034	CAT	CTT	CGA	CAA	GCA	CAG	GTG	ACT	CTC	ATA	GAC	GCT	ACA	ACT	TGC	AAT	GAA	CCT	CAA	GCT	1093
	327	H	L	R	Q	A	Q	V	T	L	I	D	A	T	T	C	N	E	P	Q	A	346
1094	1094	TAC	AAT	GAC	GCC	ATA	ACT	CCT	AGA	ATG	TTA	TGT	GCT	GGC	TCC	TTA	GAA	GGA	AAA	ACA	GAT	1153
	347	Y	N	D	A	I	T	P	R	M	L	C	A	G	S	L	E	G	K	T	D	366
1154	1154	GCA	TGC	CAG	GGT	GAC	TCT	GGA	GGA	CCA	CTG	GTT	AGT	TCA	GAT	GCT	AGA	GAT	ATC	TGG	TAC	1213
	367	A	C	Q	G	D	S	G	G	P	L	V	S	S	D	A	R	D	I	W	Y	386
1214	1214	CTT	GCT	GGA	ATA	GTG	AGC	TCG	GGA	GAT	GAA	TGT	GCG	AAA	CCC	AAC	AAG	CCT	GGT	GTT	TAT	1273
	387	L	A	G	I	V	S	S	G	D	E	C	A	K	P	N	K	P	G	V	Y	406
1274	1274	ACT	AGA	GTT	ACG	GCC	TTG	CGG	GAC	TGG	ATT	ACT	TCA	AAA	ACT	GGT	ATC	TAA	gagagaaaagcc			1336
	407	T	R	V	T	A	L	R	D	W	I	T	S	K	T	G	I	*				423
1337	1337	tcattggaacagataacattttttttgttttttgggtgtggaggccatttttagagatacagaattggagaagacttgca																				1416
1417	1417	aaacagctagatttgactgatctcaataaactgttttgccttgatqcaaaaaaaaaa																				1471

# REPLACEMENT SHEET

Fig. 1B continued

1 1	tgacttggatgtagacctcgaccttcacaggactcttcattgctggttggaatg	ATG	TAT	CGG	CCA	GAT	GTG	73
		M	Y	R	P	D	V	6
74 7	GTG AGG GCT AGG AAA AGA GTT TGT TGG GAA CCC TGG GTT ATC GGC CTC GTC ATG TTC ATA							133
	V R A R K R V C W E P W V I G L V M F I							26
134 27	TCC CTG ATT GTC CTG GCA GTG TGC ATT GGA GTC ACT GTT CAT TAT GTG AGA TAT AAT CAA							193
	S L I V L A V C I G V T V H Y V R Y N Q							46
194 47	AAG AAG ACC TAC AAT TAC TAT AGC ACA TTG TCA TTT ACA ACT GAC AAA CTA TAT GCT GAG							253
	K K T Y N Y Y S T L S F T T D K L Y A E							66
254 67	TTT GGC AGA GAG GCT TCT AAC AAT TTT ACA GAA ATG AGC CAG AGA CTT GAA TCA ATG GTG							313
	F G R E A S N N F T E M S Q R L E S M V							86
314 87	AAA AAT GCA TTT TAT AAA TCT CCA TTA AGG GAA GAA TTT GTC AAG TCT CAG GTT ATC AAG							373
	K N A F Y K S P L R E E F V K S Q V I K							106
374 107	TTC AGT CAA CAG AAG CAT GGA GTG TTG GCT CAT ATG CTG TTG ATT TGT AGA TTT CAC TCT							433
	F S Q Q K H G V L A H M L L I C R F H S							126
434 127	ACT GAG GAT CCT GAA ACT GTA GAT AAA ATT GTT CAA CTT GTT TTA CAT GAA AAG CTG CAA							493
	T E D P E T V D K I V Q L V L H E K L Q							146
494 147	GAT GCT GTA GGA CCC CCT AAA GTA GAT CCT CAC TCA GTT AAA ATT AAA AAA ATC AAC AAG							553
	D A V G P P K V D P H S V K I K K I N K							166
554 167	ACA GAA ACA GAC AGC TAT CTA AAC CAT TGC TGC GGA ACA CGA AGA AGT AAA ACT CTA GGT							613
	T E T D S Y L N H C C G T R R S K T L G							186
614 187	CAG AGT CTC AGG ATC GTT GGT GGG ACA GAA GTA GAA GAG GGT GAA TGG CCC TGG CAG GCT							673
	Q S L R I V G G T E V E E G E W P W Q A							206
674 207	AGC CTG CAG TGG GAT GGG AGT CAT CGC TGT GGA GCA ACC TTA ATT AAT GCC ACA TGG CTT							733
	S L Q W D G S H R C G A T L I N A T W L							226
734 227	GTG AGT GCT GCT CAC TGT TTT ACA ACA TAT AAG AAC CCT GCC AGA TGG ACT GCT TCC TTT							793
	V S A A H C F T T Y K N P A R W T A S F							246
794 247	GGA GTA ACA ATA AAA CCT TCG AAA ATG AAA CGG GGT CTC CGG AGA ATA ATT GTC CAT GAA							853
	G V T I K P S K M K R G L R R I I V H E							266
854 267	AAA TAC AAA CAC CCA TCA CAT GAC TAT GAT ATT TCT CTT GCA GAG CTT TCT AGC CCT GTT							913
	K Y K H P S H D Y D I S L A E L S S P V							286
914 287	CCC TAC ACA AAT GCA GTA CAT AGA GTT TGT CTC CCT GAT GCA TCC TAT GAG TTT CAA CCA							973
	P Y T N A V H R V C L P D A S Y E F Q P							306
974 307	GGT GAT GTG ATG TTT GTG ACA GGA TTT GGA GCA CTG AAA AAT GAT GGT TAC AGT CAA AAT							1033
	G D V M F V T G F G A L K N D G Y S Q N							326
1034 327	CAT CTT CGA CAA GCA CAG GTG ACT CTC ATA GAC GCT ACA ACT TGC AAT GAA CCT CAA GCT							1093
	H L R Q A Q V T L I D A T T C N E P Q A							346
1094 347	TAC AAT GAC GCC ATA ACT CCT AGA ATG TTA TGT GCT GGC TCC TTA GAA GGA AAA ACA GAT							1153
	Y N D A I T P R M L C A G S L E G K T D							366
1154 367	GCA TGC CAG GGT GAC TCT GGA GGA CCA CTG GTT AGT TCA GAT GCT AGA GAT ATC TGG TAC							1213
	A C Q G D S G G P L V S S D A R D I W Y							386
1214 387	CTT GCT GGA ATA GTG AGC TCG GGA GAT GAA TGT GCG AAA CCC AAC AAG CCT GGT GTT TAT							1273
	L A G I V S S G D E C A K P N K P G V Y							406
1274 407	ACT AGA GTT ACG GCC TTG CGG GAC TGG ATT ACT TCA AAA ACT GGT ATC TAA gagagaaaagcc							1336
	T R V T A L R D W I T S K T G I *							423
1337	tcattggaacagataaacattttttttgttttttgggtgtggaggccatttttagagatacagaattggagaagacttgca							1416
1417	aaacagctagatttgactgatctcaataaactqtttgccttgatgcaaaaaaaaaa							1471